第41卷 第12期
2024年12月

干 旱 区 研 究
ARID ZONE RESEARCH

Vol. 41 No. 12
Dec. 2024

荒漠草原自然和人工植被土壤养分及氮循环功能基因丰度特征研究

温 淼[1]， 冒辛平[1,2,3]， 杨捷钧[1]， 孙嘉忆[1]， 吴旭东[4]， 韩凤朋[1,5]

（1. 西北农林科技大学资源环境学院，陕西 杨凌 712100；2. 宁夏农林科学院农业资源与环境研究所，宁夏 银川 750002；3. 国家农业环境银川观测实验站，宁夏 银川 750002；4. 宁夏农林科学院林业与草地生态研究所，宁夏 银川 750002；5. 中国科学院水利部水土保持研究所，水利部水土保持生态工程技术研究中心，陕西 杨凌 712100）

摘 要：以7种荒漠草原适生物种为对象，通过野外采样和室内分析的方法，对荒漠草原区自然和人工植被土壤养分及其与氮循环之间的关系进行分析，结果表明：(1) 猪毛菜和柠条养分含量较高，对养分具有固定作用，有利于研究区域养分含量恢复；同时显著提高根际土壤 *bac*、*AOA*、*AOB*、*nirS*、*nirk*、*nifH*、*nosZ* 基因丰度。(2) *nifH* 基因丰度与土壤养分之间存在显著相关性。(3) 研究区域土壤生态恢复受碳氮元素的共同作用，需调整施肥结构，改善土壤环境。自然植被猪毛菜和人工植被柠条在土壤养分固定和氮循环功能基因丰度上均优于其他植被，更适合在研究区域种植，这一结果也为压砂地生态修复植物的筛选具有参考意义。

关键词：荒漠草原；植被恢复；土壤理化性质；氮循环；功能基因

压砂种植是宁夏干旱区独有的种植方式，具有保水保墒、提高水分利用率的作用[1]，并创造了巨大的经济效益。然而长期压砂耕作导致土壤贫瘠[2]、影响作物产量和品质、加剧土壤沙化[3-4]、植被退化，严重阻碍生态环境和农业可持续发展[5]。退出压砂种植，改善生态环境，实现干旱区农业可持续发展成为必然趋势。

荒漠草原是典型草原转变为荒漠的过渡带[6]，荒漠生态系统的服务功能主要为固持水土和提高生物多样性[7-8]。由于风沙危害和人为因素等干扰，荒漠草原生态环境脆弱，水分缺失植被退化状况严重，物种多样性和土地生产力较低[9-11]。“补播草种+栽植灌木”的治理措施可有效缓解生态恶化趋势[12-13]，相对于外来物种，本土物种具有更强的适应性[14]。宁夏实施退耕还(林)草20余年，通过在退化草地上采取补播和灌木(抗干旱、防风固沙的禾本科牧草以及低矮灌木[15])引入的方式改善土壤条件、恢复天然植被，增加了植被覆盖度[16]和植被种类，逐渐形成了天然草地、人工灌木林。

因此，本研究基于以上背景，对荒漠草原现有适生物种进行调查和取样检测，选取宁夏干旱区7种天然植被与人工植被，分析不同植被类型下土壤养分状况，探讨根际土壤环境因子与氮循环功能基因的关系，筛选干旱区压砂荒漠草原生态恢复的最佳植被类型，以期为研究区域土壤质量提升和生态修复提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于宁夏吴忠市红寺堡区和中卫市中宁县(105°26′~106°7′E，37°28′~37°50′N)，该地处于黄河上游的宁夏中部干旱区，是内蒙古高原和黄土

收稿日期：2024-05-02； **修订日期**：2024-08-12
基金项目：宁夏回族自治区重点研发计划项目(重点)课题(2022BBF02033)；宁夏自然科学基金项目(2023AAC03436)；第五批宁夏青年科技人才托举工程
作者简介：温淼(2000-)，女，硕士研究生，主要从事土壤环境化学方向研究. E-mail: wenmiao2000@nwafu.edu.cn
通讯作者：韩凤朋. E-mail: hanxiangzi007@163.com

高原的过渡带。区域地势南高北低,平均海拔为1155~1450 m,常年干旱少雨,昼夜温差大,降雨主要集中在7—9月,年平均降水量277 mm,属于典型的温带大陆性气候。研究区域属荒漠草原,土壤类型主要是风沙土。天然植被以多年生草本植物为主,主要为猪毛菜(*Salsola collina*)、芒草(*Miscanthus sinensis*)、芨芨草(*Achnatherum splendens*),人工植被以柠条(*Caragana korshinskii*)、旱柳(*Salix matsudana*)、枣树(*Ziziphus jujuba*)、胡枝子(*Lespedeza bicolor*)为主。

1.2 样点布设与采样

2022年8月进行野外调查及采样,在位于宁夏中部干旱带的红寺堡和中宁共选择3种天然植被(猪毛菜、芒草和芨芨草)和4种人工植被(枣树、柠条、旱柳和胡枝子)进行根际和非根际土壤样品采集(表1)。为减少气候等自然因素和人为干扰影响,采样前选择无降水天气。每种植被的采样点设置4个平行样地(草本植物为2 m × 2 m,灌木为4 m × 4 m),样地间距超过20 m。在每个样地随机选取3株长势一致的植株,去除土壤表层覆盖的枯落物。挖掘所选定植物的20个须根并轻轻抖动来收集附着在根系表面(>5 mm)的非根际土壤,用软刷慢慢刷下附着在根系表面(<5 mm)的土壤作为根际土壤样品。将收集的3株植物的根际土壤(非根际土壤)均匀混合,视为一个重复样本。从每个植物样地收集了4个根际土壤样品和4个非根际土壤样品,共采集根际土壤样品32份,非根际土壤样品28份。其中一块样地的优势种为芒草和胡枝子,非根际土壤共用。收集的样品立即存放在4 ℃的冰盒中,迅速运回实验室。将每个土壤样品分为两部分,一部分过2 mm筛于4 ℃保存用于土壤理化性质测定,一部分于-80 ℃保存用于土壤微生物DNA提取。

表1 适生植被信息

Tab. 1 Brief information on suitable vegetation

物种	科属	株高	基径	冠幅
猪毛菜*Salsola collina*	苋科猪毛菜属	35 cm	7 mm	28 cm
芒草*Miscanthus sinensis*	禾本科芒属	60 cm	8 mm	45 cm
芨芨草*Achnatherum splendens*	禾本科芨芨草属	1.5 m	5 mm	55 cm
柠条*Caragana korshinskii*	豆科锦鸡儿属	0.6 m	6 mm	75 cm
枣树*Ziziphus jujuba*	鼠李科枣属	2.5 m	10 cm	2 m
旱柳*Salix matsudana*	杨柳科柳属	5 m	20 cm	4 m
胡枝子*Lespedeza bicolor*	豆科胡枝子属	55 cm	3 cm	40 cm

1.3 土壤理化性质测定

土壤有机碳(SOC)含量采用Walkley-Black法[17-18]测定,速效磷(AP)浓度采用碳酸氢钠-钼锑抗比色法测定,硝态氮(NO_3^--N)和铵态氮(NH_4^+-N)采用KCl浸提新鲜土壤,浸提液通过连续流动分析仪(Auto-Analyer3-AA3,SEAL,德国)测定[19]。

1.4 土壤微生物DNA提取和功能基因荧光定量PCR

采用定量聚合酶链反应[20](QPCR)定量研究了土壤氮素循环关键基因的基因丰度,包括固氮菌(*nifH*)、氨氧化过程(*AOB-amoA*和*AOA-amoA*)、反硝化过程(*nirK*、*nirS*和*nosZ*)和土壤总细菌(*bac*)。使用试剂盒(D5625 Soil DNA Kit,美国Omega biotek公司)提取根际土壤基因组总DNA,经1%琼脂糖凝胶电泳检测基因组DNA的提取效率和片段完整性。以土壤样本DNA为模板进行PCR扩增,反应体系(25 μL)包含12.5 μL 2×SYBR® Green Pro Taq HS Premix(艾科瑞生物,中国长沙)、0.5 μL上游引物(0.45 μmol·L^{-1})、0.5 μL下游引物(0.42 μmol·L^{-1})、1 μL模板DNA(<100 ng)和10.5 μL无核酸酶水。将含有靶片段的质粒连续稀释6个梯度以构建标准曲线。每个样品和标质一式三份,在QuantStudio 5 PCR仪器上运行,并设置3个阴性对照。根据标准曲线计算功能基因的丰度。本试验中各反应的扩增效率均介于90%~110%,R^2均为0.99x。

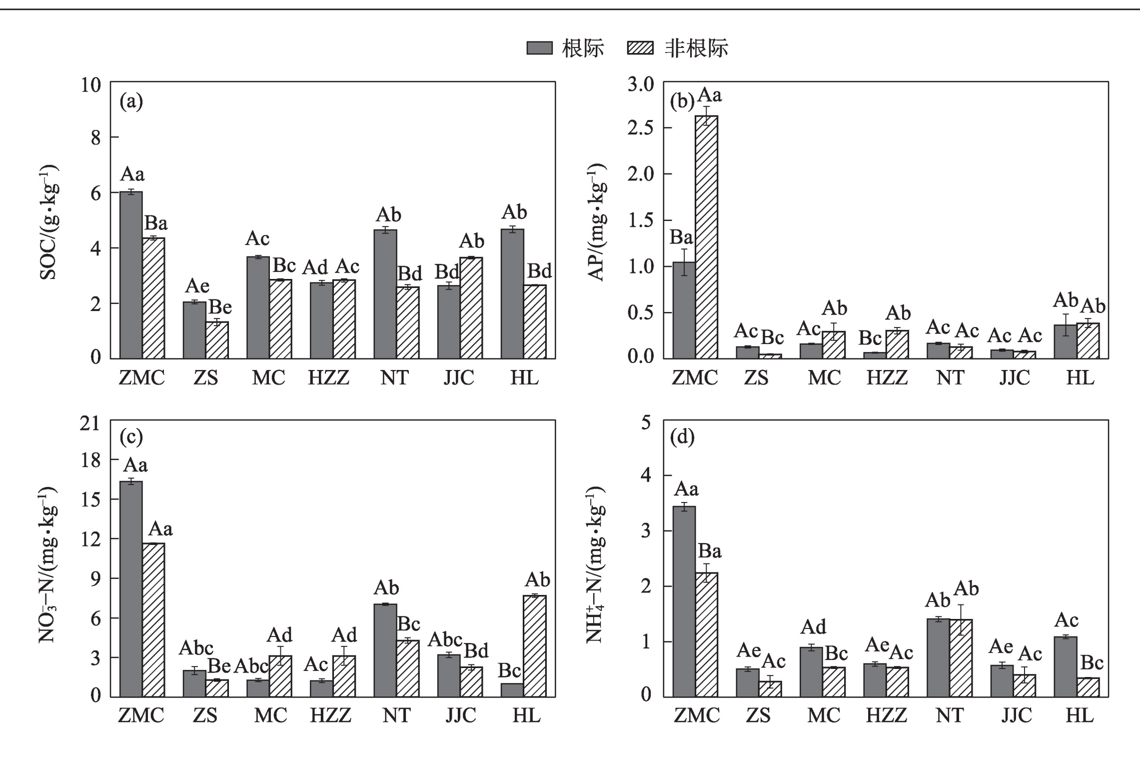
1.5 统计分析

利用Design and Analysis软件进行功能基因丰度数据的处理,数据数值以科学记数法显示。土壤理化性质试验数据采用SPSS 26.0软件进行统计分析,运用Person分析了功能基因与环境因子之间的相关性,同时运用最小显著性检验(LSD)进行多重比较分析。采用Origin 2024软件制图。

2 结果与分析

2.1 不同植被类型下根际和非根际土壤理化性质差异

不同植被的根际养分指标测定结果显示(图1),植被类型对于根际和非根际土壤养分具有显著影响(P<0.05)。猪毛菜和柠条根际养分指标含量显著高于其他植被,枣树和胡枝子指标含量最低且除有机碳外其他指标均无显著差异(P>0.05)。植被间土壤速效磷含量无显著差异(P>0.05)。对比同一植被根际与非根际养分差异性(图1),人工植被柠条、旱柳和枣树以及天然植被中猪毛菜和芒草均可以显



注:ZMC表示猪毛菜,ZS表示枣树,MC表示芒草,HZZ表示胡枝子,NT表示柠条,JJC表示芨芨草,HL表示旱柳。不同大写字母表示同一植被根际与非根际土壤之间差异显著($P<0.05$)。不同小写字母表示不同植被根际/非根际土壤之间差异显著($P<0.05$)。下同。

图1　自然和人工植被根际与非根际土壤养分含量

Fig. 1　Nutrient status of rhizosphere and non-rhizosphere soils of natural and artificial vegetation

著提升根际土壤有机质。由于植被吸收作用造成根际土壤速效磷低于非根际土壤,但人工植被柠条和枣树可以适度增加根际速效磷含量,说明柠条和枣树对该区域具有较强的适应性;旱柳根际硝态氮含量显著低于非根际土壤猪毛菜、枣树、柠条、芨芨草根际土壤硝态氮含量明显高于非根际土壤,表明这4种植被有利于提高根际氮素养分有效利用。植被根际铵态氮含量高于非根际,猪毛菜、芒草和旱柳达到显著水平。

2.2　不同植被类型下根际和非根际土壤氮循环功能基因丰度差异

通过QPCR反应对植被根际和非根际土壤氮循环功能基因丰度进行测定(图2),在同一植被根际与非根际土壤的对比,猪毛菜、旱柳、柠条和芒草根际土壤基因丰度显著高于非根际土壤,枣树和芨芨草7种基因丰度表现为根际土壤<非根际土壤,胡枝子基因丰度均无显著差异($P<0.05$)。从不同植被类型来分析根际土壤功能基因丰度变化,猪毛菜、旱柳、柠条和芒草反硝化作用基因(*nirK*、*nirS*、*nosZ*)、氨氧化古菌(*AOA*)和总细菌(*bac*)基因丰度显著高于其他3种植被类型,枣树基因丰度最低。非根际土壤基因丰度变化上,芨芨草、猪毛菜、芒草和胡枝子各基因丰度显著高于其他植被类型,芨芨草各基因丰度均最高。

2.3　土壤氮循环功能基因和理化性质的相关性

将植被根际、非根际土壤氮循环功能基因丰度与土壤理化因子进行Person相关性分析。结果表明(表2),根际(非根际)土壤与功能基因丰度呈现明显的相关性。*nifH*基因与根际土壤养分指标均显著正相关,与除速效磷外的非根际土壤养分指标呈显著负相关。土壤SOC含量显著影响土壤总细菌*bac*和固氮基因*nifH*丰度,而非根际硝态氮含量与*nosZ*、*nifH*、*nirK*、*nirS*基因丰度呈显著负相关。以上结果表明,该区域不同植被类型根际/非根际土壤与*nifH*基因关系显著,氮元素为限制微生物生长因素,碳同样是关键因素。

3　讨　论

不同植被类型对土壤养分含量具有显著影响[21-22],土壤水分与其他环境因子协同作用影响植被生长与土壤健康[23-24]。研究表明,荒漠草原土壤养分随深度增加而降低,土壤水分因降雨量、降雨强度和土壤水库等因素呈现波动趋势[25]。紫花苜蓿、柠条耗水高于传统旱作农作物,长时间种植消耗深层土

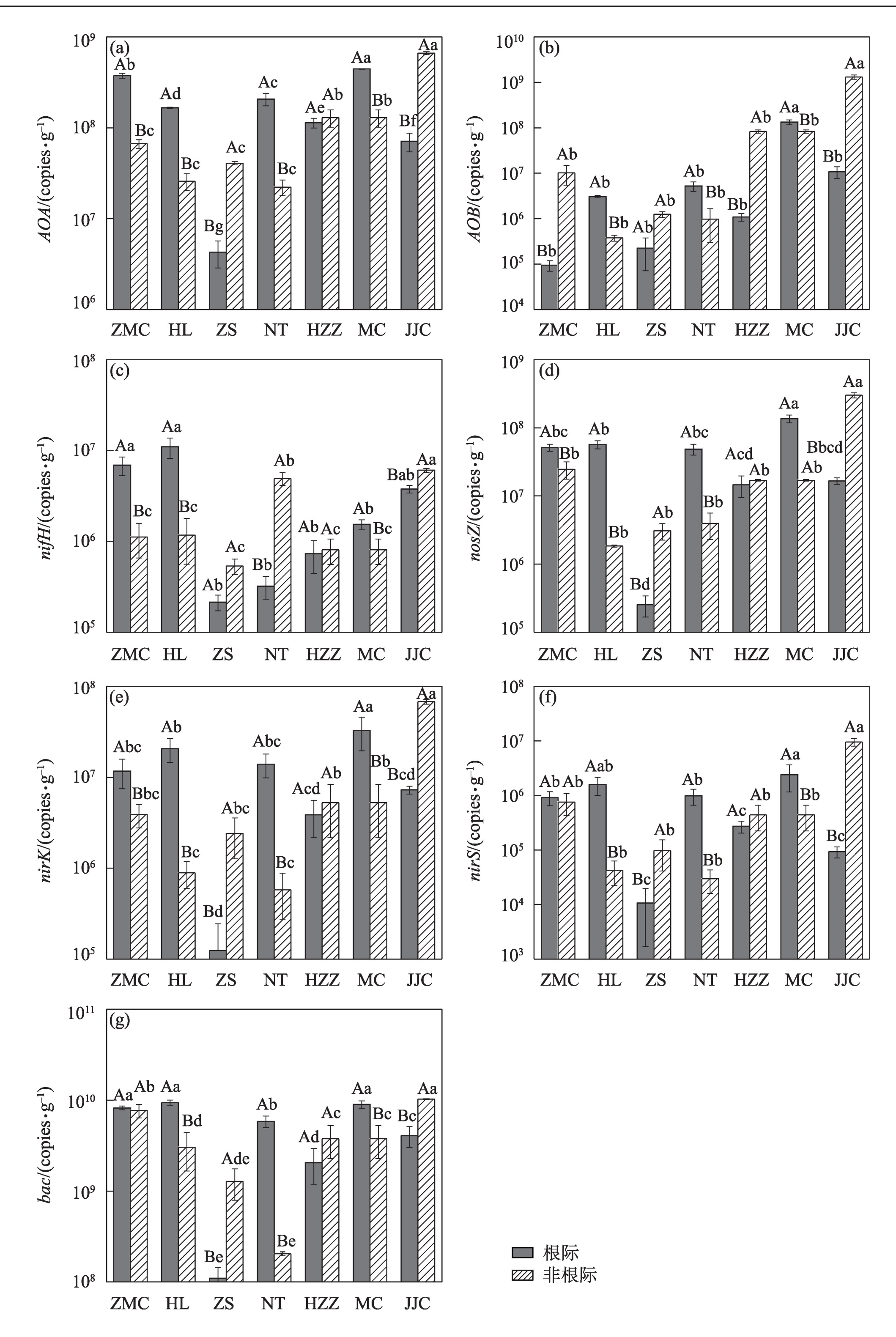


图2 自然和人工植被根际和非根际土壤氮循环功能基因丰度

Fig. 2 Abundance of nitrogen cycling genes in the rhizosphere and non-rhizosphere soils of natural and artificial vegetation

壤水分,加剧深层土壤干燥化程度[26-28]。本试验人工植被中,柠条根际土壤有机碳、硝态氮、铵态氮含量高于其他人工林,由于豆科植物具有显著的固氮作用,柠条在提高土壤肥力、微生物群落恢复方面较天然草地有优势,这一结果与卞莹莹等[29]的研究结果一致,因此,柠条适用于植被恢复。根际土壤体积占比小,但由于植物根系分泌的各种代谢物,根际土壤的营养物质和微生物较非根际土壤更加

表2　土壤理化性质与功能基因的Person相关性

Tab. 2　Person correlation between soil physicochemical properties and functional genes

环境因子	功能基因						
	AOA	*nosZ*	*AOB*	*bac*	*nifH*	*nirK*	*nirS*
根际土壤							
有机碳	0.449*	0.341	−0.248	0.480*	0.555**	0.312	0.333
速效磷	0.064	0.067	−0.135	0.180	0.478*	0.081	0.107
硝态氮	0.186	0.194	−0.091	0.27	0.483*	0.222	0.222
铵态氮	0.232	0.227	−0.061	0.334	0.484*	0.255	0.269
非根际土壤							
有机碳	0.200	0.137	0.122	0.448*	−0.468*	0.045	0.136
速效磷	−0.094	−0.257	−0.242	0.198	−0.411	−0.229	−0.205
硝态氮	−0.298	−0.431*	−0.386	−0.043	−0.500*	−0.409*	−0.411*
铵态氮	−0.181	−0.307	−0.252	−0.089	−0.599**	−0.353	−0.288

注:*表示$P<0.05$;**表示$P<0.01$。

丰富。通过根系的吸收作用,根际土壤也具有更高的矿质元素含量[30]。根系分泌物通过释放有机物质提供糖类和氮元素等营养物质,促进微生物繁殖,增加土壤有机质含量。在荒漠化地区,土壤有机碳含量还会随退化程度升高而降低[27,31],随退耕还林施行年限增加而升高,这也说明植被恢复有利于有机质再积累。

本研究区域为典型的荒漠草原,是沙漠化控制的重要地区,随沙漠化程度升高土壤肥力逐渐降低。刘王锁[32]研究利用不同固沙植被建植模式探究了沙漠化逆转措施,通过提升禾本科作物的比例显著改善土壤理化性状,提高表层土壤水分同时增加物种多样性。也有研究证实乔木混交(樟子松×榆树)可以促进土壤有机质分解和N素释放,并减缓P素含量下降的影响[33]。混交对根际土壤养分和根际土壤细菌群落结构的影响显著[34],混交地处于相对稳定的存在状态,混交土壤养分含量显著提升,细菌/真菌数量也显著高于单一植被覆盖。乔灌混交、灌草混交的利用还可以最大程度地利用太阳光,合理分配水、肥、气、热等资源。

氮循环是微生物和化学过程介导的生物地球化学循环[35]。固氮作用将大气中的N_2还原成NH_4^+后,可被微生物利用于合成各种含氮化合物,是生态系统中氮素的主要来源。在固氮基因中,*nifH*基因作为固氮作用的表征基因,常被用于检测介质中固氮微生物的种群结构及多样性[36-37]。本研究中相关性分析结果显示,荒漠草原土壤*nifH*基因丰度与土壤环境因子SOC含量呈极显著相关关系($P<0.01$),这与张萌[38]的研究结果一致。康娥儿[39]研究发现,环境因子是影响根际土壤微生物群落结构变化的关键因素,空间变量也有可能与环境因子共同影响微生物群落的构建[40]。同时不同植被类型随种植年限的增加其*nifH*基因多样性也与养分变化规律一致[22],生物结皮演替通过改变土壤理化性质进而对固氮微生物生存环境产生影响。土壤速效磷含量曾被认为是影响半干旱退化草地土壤氮循环基因的主要因子之一[41],但本研究结果显示(表2),根际土壤速效磷含量与*nifH*基因关系显著外,与其他氮循环相关基因丰度均不显著,这可能是由于本研究区域沙漠化现状造成土壤肥力低下,同时自然和人工植被恢复过程中经营管理不当,导致土壤速效磷等养分的含量出现不同程度的降低。

不同土地利用类型(林地、农田、设施蔬菜)中,土壤铵态氮和有机碳含量不同程度影响着氨氧化古菌(Ammonia Oxidizing Archaea,*AOA*)和氨氧化细菌(Ammonia Oxidizing Bacteria,*AOB*)群落结构[42],Fisk等[43]研究也表明,有机质的输入增加了土壤*AOB*基因丰度。豆禾轮作中土壤速效磷含量被证实是驱动*AOA*和*AOB*群落结构变化的重要因子[44],作为固氮作物,不同种植年限紫花苜蓿的土壤碳氮含量均是影响氨氧化菌群落结构的主要因素[45]。同时在干旱土壤中,*AOB*较*AOA*对硝化作用具有更大的贡献[46]。

除土壤化学性质外,土壤水分等也是影响土壤微生物活性的重要因素。干旱被证实限制了土壤硝化细菌的活性,从而降低硝化速率,同时对固氮菌也存在潜在影响。不同植被对水分的固持作用不同,因此,植被通过调控水分含量影响微生物活

性进而作用于氮循环过程。

由于干旱区荒漠草原与土壤微生物之间的复杂关系,为进一步了解荒漠草原生态系统氮循环过程与土壤环境因子的相互作用,我们仍需继续进行观察和分析。

4 结 论

本研究对不同植被类型根际、非根际土壤的土壤养分及氮循环功能基因丰度进行了指标测定,结合Person相关性分析进一步探讨了环境因子与氮循环功能基因之间的关系,得出以下主要结论:

(1) 猪毛菜和柠条养分含量较高,对养分具有固定作用,有利于研究区域养分含量恢复;同时显著提高根际土壤*bac*、*AOA*、*AOB*、*nirS*、*nirk*、*nifH*、*nosZ*基因丰度。综合土壤养分和氮循环功能基因研究结果,猪毛菜和柠条适合在该区域种植。

(2) *nifH*基因丰度与土壤养分之间存在显著相关性。

参考文献(References):

[1] 刘平, 岳自慧, 王文, 等. 宁夏压砂地水土流失风险及防治对策[J]. 中国水土保持, 2022, 45(2): 21-22. [Liu Ping, Yue Zihui, Wang Wen, et al. Risk and prevention measures of soil erosion in Ningxia's sandy land[J]. Science of Soil and Water Conservation, 2022, 45(2): 21-22.]

[2] 贾振江, 赵广兴, 李王成, 等. 宁夏中部干旱带砂土混合覆盖下土壤蒸发估算[J]. 水土保持学报, 2022, 36(2): 219-227. [Jia Zhenjiang, Zhao Guangxing, Li Wangcheng, et al. Estimation of soil evaporation under mixed sand cover in arid regions of central Ningxia[J]. Journal of Soil and Water Research, 2022, 36(2): 219-227.]

[3] Zhao Wenju, Cui Zhen, Zhou Changquan. Spatiotemporal variability of soil-water content at different depths in fields mulched with gravel for different planting years[J]. Journal of Hydrology, 2020, 590: 125253.

[4] 阮晓晗. 不同种植年限压砂地土壤入渗特征及水力学参数研究[D]. 银川: 宁夏大学, 2022. [Ruan Xiaohan. Soil Water Infiltration Characteristics and Hydraulic Parameters of Gravel-sand Mulched Fields with Different Planting Years[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2022.]

[5] 刘晓慧. 宁夏压砂地生态修复对策及建议[J]. 宁夏农林科技, 2023, 64(1): 60-64, 67. [Liu Xiaohui. Ecological restoration strategies and suggestions for Ningxia's sandy land[J]. Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and technology, 2023, 64(1): 60-64, 67.]

[6] Martin Kent. Biogeography and landscape ecology[J]. Progress in Physical Geography, 2007, 31(3): 345-355.

[7] Hu Ya, Li Xiangyun, Guo Aixia, et al. Species diversity is a strong predictor of ecosystem multifunctionality under altered precipitation in desert steppes[J]. Ecological Indicators, 2022, 137: 108762.

[8] 马喆, 李江文, 张彬, 等. 不同放牧强度对荒漠草原优势植物功能性状的影响[J]. 草原与草业, 2023, 35(4): 22-28. [Ma Zhe, Li Jiangwen, Zhang Bin, et al. Effects of different grazing intensities on the functional characteristics of the dominant species in desert steppe[J]. Grassland and Prataculture, 2023, 35(4): 22-28.]

[9] Max Rietkerk, Pieter Ketner, Joep Burger, et al. Multiscale soil and vegetation patchiness along a gradient of herbivore impact in a semi-arid grazing system in west Africa[J]. Plant Ecology, 2000, 148(2): 207-224.

[10] Qiu Sijing, Martin Stefan Brandt, Stephanie Horion, et al. Facing the challenge of NDVI dataset consistency for improved characterization of vegetation response to climate variability[J]. The Science of the Total Environment, 2024, 944: 173308.

[11] Li Mengyuan, Li Xiaobing, Liu Siyu, et al. Ecosystem services under different grazing intensities in typical grasslands in Inner Mongolia and their relationships[J]. Global Ecology and Conservation, 2021, 26: e01526.

[12] 田秀民, 马春霞, 邢恩德. 荒漠草原区家庭牧场退化草地恢复管理措施研究[J]. 中国农学通报, 2017, 33(36): 105-110. [Tian Xiumin, Ma Chunxia, Xing Ende. Restoration and management measures for degraded grasslands of family ranches in desert steppe areas[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2017, 33(36): 105-110.]

[13] 荣浩, 何京丽, 张欣, 等. 荒漠草原不同植被恢复模式地上生物量与土壤水分的关系[J]. 草原与草坪, 2018, 38(5): 71-76. [Rong Hao, He Jingli, Zhang Xin, et al. Relationship between aboveground biomass and soil moisture of different vegetation restoration models on desert steppe[J]. Grassland and Turf, 2018, 38(5): 71-76.]

[14] Sabina Donnelly, Morodoluwa AkinFajiye, Lauchlan H Fraser. Plant provenance can influence the impacts of temperature and moisture on intraspecific competition in *Pseudoroegneria spicata*[J]. Ecology and Evolution, 2023, 13(10): e10603.

[15] 马千虎, 周玉蓉, 徐金鹏, 等. 宁夏东部荒漠草原不同植被恢复模式的土壤响应特征[J]. 中国草地学报, 2018, 40(5): 50-56. [Ma Qianhu, Zhou Yurong, Xu Jinpeng, et al. Response of soil to different vegetation restorations in desert to steppe in Eastern Ningxia[J]. Chinese Journal of Grassland, 2018, 40(5): 50-56.]

[16] Li Zhiyong, Yang Xi, Long Wei, et al. Temperature mainly determined the seasonal variations in soil faunal communities in semiarid areas[J]. Land, 2024, 13(4): 505.

[17] Nelson D W, Sommers L E. Total Carbon, Organic Carbon, and Organic Matter[M]. American: American Society of Agronomy and Soil Science Society, 1996: 961-1010.

[18] Bremner J M, Mulvaney C S. Nitrogen-Total[M]. American: American Society of Agronomy and Soil Science Society, 1982: 595-624.

[19] Wang Yongsheng, Cheng Shulan, Fang Huajun, et al. Simulated nitrogen deposition reduces CH_4 uptake and increases N_2O emission from a subtropical plantation forest soil in southern China[J]. PloS One, 2014, 9(4): e93571.

[20] 张淼, 刘俊杰, 刘株秀, 等. 黑土区农田土壤氮循环关键过程微

生物基因丰度的分布特征[J]. 土壤学报, 2022, 59(5): 1258-1269. [Zhang Miao, Liu Junjie, Liu Zhuxiu, et al. Distribution characteristics of microbial gene abundance in key processes of soil nitrogen cycling in black soil zone[J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, 59(5): 1258-1269.]

[21] Feng Tianjiao, Qi Yulin, Zhang Feiyu, et al. Long-term effects of vegetation restoration and forest management on carbon pools and nutrient storages in northeastern Loess Plateau, China[J]. Journal of Environmental Management, 2024, 354: 120296.

[22] Lu Jiannan, Feng Shuang, Wang Shaokun, et al. Patterns and driving mechanism of soil organic carbon, nitrogen, and phosphorus stoichiometry across northern China's desert-grassland transition zone[J]. Catena, 2023, 220: 106695.

[23] 莫保儒, 王子婷, 蔡国军, 等. 半干旱黄土区成熟柠条林地剖面土壤水分环境及影响因子研究[J]. 干旱区地理, 2014, 37(6): 1207-1215. [Mo Baoru, Wang Ziting, Cai Guojun, et al. Soil water environment in different soil layers and influence factors of mature forest of *Caragana korshinskii* in semiarid loess areas[J]. Arid Land Geography, 2014, 37(6): 1207-1215.]

[24] 莫保儒, 蔡国军, 杨磊, 等. 半干旱黄土区成熟柠条林地土壤水分利用及平衡特征[J]. 生态学报, 2013, 33(13): 4011-4020. [Mo Baoru, Cai Guojun, Yang Lei, et al. Soil water use and balance characteristics in mature forest and pofile of *Caragana korshinskii* in semiarid loess areas[J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(13): 4011-4020.]

[25] 程杰. 黄土高原草地植被分布与气候响应特征[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011. [Cheng Jie. Response of Grassland Vegetations Distribution to Climate Change in the Loess Plateau[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2011.]

[26] 王雁超, 吕雯, 汪星, 等. 宁南山区雨养苜蓿地土壤水分、养分及根系分布特征[J]. 中国草地学报, 2022, 44(8): 37-45. [Wang Yanchao, Lv Wen, Wang Xing, et al. Distribution characteristics of soil water, nutrients, and roots of rain-fed alfalfa fields in southern Ningxia mountain area[J]. Chinese Journal of Grassland, 2022, 44(8): 37-45.]

[27] 高元亢, 李婧, 汪星, 等. 黄土丘陵苜蓿与柠条深层土壤干化状况及根系与养分特征[J]. 水土保持研究, 2023, 30(6): 168-176. [Gao Yuankang, Li Jing, Wang Xing, et al. [Soil desiccation and root and nutrient characteristics of *Medicago sativa* L. and *Caragana korshinskii* in loess hilly area[J]. Research of Soil and Water Conversation, 2023, 30(6): 168-176.]

[28] 刘沛松. 宁南苜蓿草田轮作土壤环境效应研究[D]. 杨陵: 西北农林科技大学, 2008. [Liu Peisong. Research on Soil Environmental Effects of Alfalfa-Grain Rotation on Dryland Area of Southern Ningxia[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2008.]

[29] 卞莹莹, 张志敏, 付镇, 等. 荒漠草原区不同植被恢复模式土壤微生物菌落分布特征及其与土壤理化性质的相关性[J]. 草地学报, 2021, 29(4): 655-663. [Bian Yingying, Zhang Zhimin, Fu Zhen, et al. Distribution characteristics of soil microbial communities of different vegetation restoration models and their correlation with soil physical and chemical properties in desert steppe[J]. Acta Agrestia Sinica, 2021, 29(4): 655-663.]

[30] Kratika Singh, Shreya Gupta, Amar Pal Singh. Review: Nutrient-nutrient interactions governing underground plant adaptation strategies in a heterogeneous environment[J]. Plant Science: An International Journal of Experimental Plant Biology, 2024, 342: 112024.

[31] 曹颖, 聂明鹤, 沈艳, 等. 宁夏干旱风沙区荒漠草原不同退化阶段植被土壤变化特征及其相关性[J]. 草业学报, 2024, 33(8): 1-14. [Cao Ying, Nie Minghe, Shen Yan, et al. Changes in vegetation and soil characteristics and their correlations in grasslands at different stages of degradation on the desert steppe in an arid windsandy area of Ningxia[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2024, 33(8): 1-14.]

[32] 刘王锁. 毛乌素沙地南缘固沙植被建植模式对土壤微生物多样性的影响及机制[D]. 银川: 宁夏大学, 2022. [Liu Wangsuo. Effects of the Planting Patterns of Sand-Fixing Vegetation on Soil Microbial Diversity and the Revelant Mechanisms in the Southern Mu Us Sandy Land, China[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2022.]

[33] 王凯, 雷虹, 石亮, 等. 沙地樟子松带状混交林土壤碳氮磷化学计量特征[J]. 应用生态学报, 2019, 30(9): 2883-2891. [Wang Kai, Lei Hong, Shi Liang, et al. Soil carbon, nitrogen, and phosphorus stoichiometry characteristics of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* belt-mixed forests[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(9): 2883-2891.]

[34] 李万年, 罗益敏, 黄则月, 等. 望天树人工幼林混交对土壤微生物功能多样性与碳源利用的影响[J]. 植物生态学报, 2022, 46(9): 1109-1124. [Li Wannian, Luo Yimin, Huang Zeyue, et al. Effects of mixed young plantations of *Parashorea chinensis* on soil microbial functional diversity and carbon source utilization[J]. Journal of Plant Ecology, 2022, 46(9): 1109-1124.]

[35] 张博雅, 余珂. 微生物基因数据库在氮循环功能基因注释中的应用[J]. 微生物学通报, 2020, 47(9): 3021-3038. [Zhang Boya, Yu Ke. Application of microbial gene databases in the annotation of nitrogen cycle functional genes[J]. Microbiology, 2020, 47(9): 3021-3038.]

[36] John Christian Gaby, Lavanya Rishishwar, Lina C Valderrama-Aguirre, et al. Diazotroph community characterization via a high-throughput *nifH* amplicon sequencing and analysis pipeline[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2018, 85(4): e01512-e01517.

[37] John Christian Gaby, Daniel H Buckley. A comprehensive evaluation of PCR primers to amplify the *nifH* gene of nitrogenase[J]. PloS ONE, 2017, 7(7): e42149.

[38] 张萌. 内蒙古三种草原类型土壤中固氮菌群多样性分析及其分离鉴定[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2021. [Zhang Meng. Composition Diversity and Isolation of Nitrogen Fixation Bacteria in Three Types of Grassland[D]. Hohhot: Inner Mongolia University, 2021.]

[39] 康娥儿. 宁夏主栽枸杞根际土壤微生物群落特征分析[D]. 银川: 宁夏大学, 2022. [Kang'er. Analysis of Microbial Community Characteristics in the Rhizosphere Soil of Main *Lycium barbarum* in Ningxia[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2022.]

[40] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 半干旱区锦鸡儿属植物根际土壤真菌群落多样性及驱动因素[J]. 应用生态学报, 2021, 32(12):

4289–4297. [Li Yuanyuan, Xu Tingting, Ai Zhe, et al. Fungal community diversity and driving factors in the rhizosphere soil of *Caragana* spiece across semi-arid areas[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, 32(12): 4289–4297.]

[41] 廖李容, 王杰, 张超, 等. 禁牧对半干旱草地土壤氮循环功能基因丰度和氮储量的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(10): 3473–3481. [Liao Lirong, Wang Jie, Zhang Chao, et al. Effects of grazing exclusion on the abundance of functional genes involved in soil nitrogen cycling and nitrogen storage in semiarid grassland[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(10): 3473–3481.]

[42] 朱飞, 李文波, 田磊, 等. 土地利用类型对土壤氨氧化微生物丰度和群落结构的影响[J]. 山东农业科学, 2023, 55(9): 79–86. [Zhu Fei, Li Wenbo, Tian Lei, et al. Effects of land use types on abundance and community structure of soil ammonia-oxidizing microorganisms[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2023, 55(9): 79–86.]

[43] Fisk L M, Barton L, Maccarone L D, et al. Seasonal dynamics of ammonia-oxidizing bacteria but not archaea influence soil nitrogen cycling in a semi-arid agricultural soil[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 7299.

[44] 侯喜庆, 禹桃兵, 王培欣, 等. 轮作模式对冬小麦土壤氨氧化微生物群落多样性和组成的影响[J]. 生态学报, 2023, 43(23): 9900–9911. [Hou Xiqing, Yu Taobing, Wang Peixin, et al. Diversity and composition of ammonia-oxidizing archaeal and bacterial communities in rhizosphere and bulk soils of winter wheat in crop rotations[J]. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(23): 9900–9911.]

[45] 张耀全. 半干旱雨养区苜蓿种植年限影响黄绵土 N_2O 排放的微生物驱动机制[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2020. [Zhang Yaoquan. The Microbial Driving Mechanism of Alfalfa Growth Years Influencing N_2O Emission in Rainfed Loess Plateau[D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2020.]

[46] Banning Natasha C, Maccarone Linda D, Fisk Louise M, et al. Ammonia-oxidising bacteria not archaea dominate nitrification activity in semi-arid agricultural soil[J]. Scientific Reports, 2015, 5(1): 11146.

Abundance characteristics of soil nutrients and nitrogen cycle functional genes in the natural and artificial vegetation of desert grasslands

WEN Miao[1], MAO Xinping[1,2,3], YANG Jiejun[1], SUN Jiayi[1], WU Xudong[4], HAN Fengpeng[1,5]

(1. College of Natural Resources and Environment, Northwest A & F University, Yangling 712100, Shaanxi, China; 2. Institute of Agricultural Resources and Environment, Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yinchuan 750002, Ningxia, China;3. National Observation and Experiment Station of Agricultural Environment, Yinchuan 750002, Ningxia, China;4. Institute of Forestry and Grassland Ecology, Ningxia Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Yinchuan 750002, Ningxia, China; 5. Research Center on Soil & Water Conservation, Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences Ministry of Water Resources, Yangling 712100, Shaanxi, China)

Abstract: In this study, we examined seven species suited to desert grasslands and analyzed the relationship between soil nutrients and nitrogen cycling in natural and artificial vegetation through field sampling and laboratory analysis. The results showed the following: (1) *Salsola collina* and *Caragana korshinskii* howed high nutrient content, which had a fixed effect on nutrients and was conducive to the restoration of nutrient content within the study area. Additionally, these species significantly increased the abundance of *bac*, *AOA*, *AOB*, *nirS*, *nirK*, *nifH*, and *nosZ* genes in the rhizosphere soil. (2) The abundance of the *nifH* gene was significantly correlated with soil nutrient levels. (3) The ecological restoration of soil in the study area is influenced by the combined effects of carbon and nitrogen, necessitating adjustments to the fertilization structure and improvements to the soil environment in the future. Overall, natural vegetation, such as *Salsola collina*, and artificial vegetation, such as *Caragana korshinskii*, outperformed other species in soil nutrient fixation and nitrogen cycling functional gene abundance, making them ideal for restoration in the study area. These findings provides valuable insights for selecting plant species in future ecological restoration of gravel-sand-mulched fields.

Keywords: desert grassland; vegetation restoration; soil physical and chemical properties; nitrogen cycle; functional gene